SEP 2 4 2002

FASTA searches a protein or DNA sequence data bank
version 3.3t05 March 30, 2000
Please cite:
W.R. Pearson & D.J. Lipman PNAS (1988) 85:2444-2448

/tmp/fastaCAAygaWej: 995 aa
 >SEQ ID NO:2
 vs /tmp/fastaDAAzgaWej library
searching /tmp/fastaDAAzgaWej library

   1008 residues in   1 sequences

FASTA (3.34 January 2000) function [optimized, BL50 matrix (15:-5)] ktup: 2
 join: 39, opt: 27, gap-pen: -12/ -2, width: 16
 Scan time: 0.034
The best scores are: opt
M13699 ACCESSION:M13699 NID: gi 180255 gb M13699. (1008) 2671

>>M13699 ACCESSION:M13699 NID: gi 180255 gb M13699.1 HUM (1008 aa)
 initn: 1414 init1: 972 opt: 2671
Smith-Waterman score: 3980; 57.002% identity in 1014 aa overlap (1-992:1-1008)

```
              10        20        30        40        50
SEQ    MKILILGIFLFLCSSPGWAIDRHCYIGIEESIWNYAPSGKNMLNEKPFSEDLE----FLQ
       :::::::::::::::.:.:: ..: :::: :. :.::  ..  ..: .: : :   .::
M13699 MKILILGIFLFLCSTPAWAKEKHYYIGIIETTWDYA---SDHGEKKLISVDTEHSNIYLQ
              10        20        30          40        50


              60        70        80        90       100       110
SEQ    GGQARKSFVFKKALYFQYTDNTFQRIIEKPSWLGFLGPMIKAETGDFIYVHVKNNASRAY
        .:   :  . ..::::::.:. ::::  :::::::::::.:::::: .::.:: ::: :
M13699 NGPDRIGRLYKKALYLQYTDETFRTTIEKPVWLGFLGPIIKAETGDKVYVHLKNLASRPY
              60        70        80        90       100       110


             120       130       140       150       160       170
SEQ    SYHPHGLTYSKENEAHGAIYPDNTTGLQKEVEYLEPGKQYTYKWYVEEHQGPGPNDSNCV
       ..: ::.:: ::.:  :::::::::: ::.    . . ::.::::    . :.:.:: ..:.:::
M13699 TFHSHGITYYKEHE--GAIYPDNTTDFQRADDKVYPGEQYTYMLLATEEQSPGEGDGNCV
             120       130       140         150       160       170


            180       190       200       210       220       230
SEQ    TRIYHSHIDTARDVASGLIGPILTCKRGTLNGDTEKDIDRSSFLMFSTTDESRSWYSDEN
       :::::::::. .:.:::::::.. ::. .:. . :: :::  .:::.::: ::: ..:
M13699 TRIYHSHIDAPKDIASGLIGPLIICKKDSLDKEKEKHIDREFVVMFSVVDENFSWYLEDN
             180       190       200       210       220       230


            240       250       260       270       280       290
SEQ    IRAF-TESGKINTSDPRFEESMSMQSINGYIYGNLPNLTMCAEDRVQWYFVGMGGVADIH
       :.... .:  :.. ..  :.:: : :.::: .:.::.:.::::::::.::. :::. .:.:
M13699 IKTYCSEPEKVDKDNEDFQESNRMYSVNGYTFGSLPGLSMCAEDRVKWYLFGMGNEVDVH
             240       250       260       270       280       290


            300       310       320       330       340       350
SEQ    PVYLRGQTLISRNHRKDTIMLFPSSLEDAFMVAKAPGVWMLGCQ----IHESMQAFFKVS
       ...::.: ..:.: ::: :::::..: ::.:::.:: :: :::::.:.  .. ..:::::::.
M13699 AAFFHGQALTNKNYRIDTINLFPATLFDAYMVAQNPGEWMLSCQNLNHLKAGLQAFFQVQ
             300       310       320       330       340       350
```

```
           360       370       380       390       400       410
SEQ   NCQKPSTEAFVTGTHVIHYYIAAKEILWNYAPSGIDFFTKKNLTAAGSKSQLFFERSPTR
       .:.:  :..   . :  ::  ::::::.::.:::::::::::.::.:::: :: : .::::.. ::
M13699 ECNKSSSKDNIRGKHVRHYYIAAEEIIWNYAPSGIDIFTKENLTAPGSDSAVFFEQGTTR
           360       370       380       390       400       410


           420       430       440       450       460
SEQ   IGGTYKKLIYREYTDASFQTQKAR---EEHLGILGPVFKAEVGQTIKITFYNNASLPLSI
       :::.:::.:::::::::  ..: :    ::::::::::. :::::::::.:.. :::
M13699 IGGSYKKLVYREYTDASFTNRKERGPEEEHLGILGPVIWAEVGDTIRVTFHNKGAYPLSI
           420       430       440       450       460       470


        470       480        490       500       510       520
SEQ   QPPGLHYNKSNEGLFYE---TPGG-STPPPSSHVSPGTTFVYTWEVPKDVGPTSTDPNCL
       .: :...:.::: .:     .: . :.:: .:::.:  ::..: : :::.::::..:: ::
M13699 EPIGVRFNKNNEGTYYSPNYNPQSRSVPPSASHVAPTETFTYEWTVPKEVGPTNADPVCL
        480       490       500       510       520       530


           530       540       550       560       570       580
SEQ   TWFYYSSVNGKKDINSGLLGPLLICRNGSLGDDGKQKGVDKEFYLLATIFDENESNLLDE
       . .::::.:.   ::: .::.::. ::..::  .:.:: ::::::::.:.:::::: ::..
M13699 AKMYYSAVDPTKDIFTGLIGPMKICKKGSLHANGRQKDVDKEFYLFPTVFDENESLLLED
           540       550       560       570       580       590


           590       600       610       620       630       640
SEQ   N-RTFITEPENIDKEDTDCQASNKMYSINGYMYGNLPGLDTCLGDNVLWHVFSVGSVEDL
       : :  :...:::  : : ::::.:.::.:::: ::: : ::.:.:..:.:.   :.
M13699 NIRMFTTAPDQVDKEDEDFQESNKMHSMNGFMYGNQPGLTMCKGDSVVWYLFSAGNEADV
           600       610       620       630       640       650


           650       660       670       680       690       700
SEQ   HGIYFSGNTFTSLGARRDTIPMFPYTSQTLLMTPDSIGTFDLVCMTIKHNLGGMKHKYHV
       ::::::::::.    :  :::::  .:: :: :: : ::. :::.. :.:  : :::::.:: :
M13699 HGIYFSGNTYLWRGERRDTANLFPQTSLTLHMWPDTEGTFNVECLTTDHYTGGMKQKYTV
           660       670       680       690       700       710


           710       720       730       740       750       760
SEQ   RQCGKPNPDQTQYQEEKIIITIAAEEMEWDYSPSRKWENELHHLRRENQTSMYVDRSGTL
       ::  . . :.: :    ::: :.::::::::.::.:.::::::::::...  .. ..:.
M13699 NQCRRQSEDSTFYLGERTYY-IAAVEVEWDYSPQREWEKELHHLQEQNVSNAFLDKGEFY
           720       730       740       750       760       770


           770       780       790       800       810       820
SEQ   LGSKYKKVLYRQYDDNTFTNQTKRNEGEKHLDILGPLILLNPGQIIQIIFKNKAARPYSI
       .:::::::::.:::: :.::    ..:.  :.:: :::: .  . :. ..:::::: :.:::::
M13699 IGSKYKKVVYRQYTDSTFRVPVERKAEEEHLGILGPQLHADVGDKVKIIFKNMATRPYSI
           780       790       800       810       820       830


           830       840       850       860       870       880
SEQ   HAHGVKTNNSTVVPTQPGEIQIYTWQIPDRTGPTSLDFECIPWFYYSTVSVAKDLHSGLV
       ::::::.:..::::.:  :::   :.:.:.:.  . : :::: :::::. .:::.:::.:::.
M13699 HAHGVQTESSTVTPTLPGETLTYVWKIPERSGAGTEDSACIPWAYYSTVDQVKDLYSGLI
           840       850       860       870       880       890
```

```
           890            900           910           920           930
SEQ     GPLSVCR----KDINPN-IVHRVLHFMIFDENESWYFEDSINTYASKPNKVDKENDNFQL
        ::: :::      : .::     .. .: :..::::::::..:.:.::...:.::.:....:
M13699  GPLIVCRRPYLKVFNPRRKLEFALLFLVFDENESWYLDDNIKTYSDHPEKVNKDDEEFIE
           900           910           920           930           940           950


        940           950           960           970           980           990
SEQ     SNQMHAINGRLFGNNQGITFHVGDVVNWYLIGIGNEADLHTVHFHGHSFEYKHKYLI
        ::..:::::::.::: :::.:.:::: :::::.:.::: ::::::::::::.:::.
M13699  SNKMHAINGRMFGNLQGLTMHVGDEVNWYLMGMGNEIDLHTVHFHGHSFQYKHR
           960           970           980           990          1000



995 residues in 1 query    sequences
1008 residues in 1 library sequences
 Scomplib [version 3.3t05 March 30, 2000]
 start: Wed Sep 18 11:18:07 2002 done: Wed Sep 18 11:18:08 2002
 Scan time:  0.034 Display time:  1.433

Function used was FASTA
```